

利用大豆育成品种的 SSR 标记遗传距离 预测杂种优势的初步研究^{*}

张 博 邱丽娟 常汝镇

(中国农业科学院作物品种资源研究所; 农业部作物种质资源与生物技术重点开放实验室, 北京 100081)

摘要 以来自 6 个省市的 10 个育成品种及其配制杂交的 22 个 F_1 代为材料, 用 18 个大豆 SSR 引物对亲本进行检测, 探索用亲本间分子遗传距离预测 F_1 代杂种优势的可能性, 为大豆杂种优势利用的亲本选配提供参考。结果表明, 10 个育成品种根据 SSR 数据可聚为两类, 提高 F_1 代的分枝数和单株荚数, 选择类内的亲本配制组合要好于选择类间的亲本。大多数具有部分相同遗传背景 F_1 性状的差异显著性和杂种优势随着亲本组合的不同而改变, 与遗传距离关系并不密切。 F_1 总体和少数具有部分相同遗传背景的 F_1 百粒重的超中亲、高亲优势与遗传距离存在 2 次曲线极显著相关, F_1 总体分枝数的超中亲优势与亲本间遗传距离存在 2 次曲线显著相关。

关键词 大豆; 遗传距离; 杂种优势

中图分类号 S 565.1 文献标识码 A 文章编号 1000-9841(2003)03-0166-06

利用作物杂种优势是大幅度提高作物产量最有效的途径之一。玉米、水稻、高粱等主要粮食作物, 油菜、向日葵等油料作物以及多种蔬菜、水果均利用杂种优势大幅度提高了产量。大豆的杂种优势也较高。王曙明等从 1326 个组合中选出优势较高的组合 176 个, 经二年 3 点的重复产量测定, 平均超高亲优势率为 22.5%, 平均对照优势率为 21.1%, 高亲与对照优势率同时超过 20% 以上的组合占 22.1%。高优势组合大多为亲缘关系较远的组合, 表明亲缘关系是影响大豆高优势组合选配的重要因素^[1]。梁江等对广西优良大豆品种(系)X 巴西大豆的 12 个组合 F_1 代分析, 除生育期和百粒重超亲不明显外, 多数组合的单株产量、单株粒数表现正向超中亲或高亲, 少数组合负向超中亲, 其中单株产量全部正向超中亲。12 个组合的 F_1 和 F_2 代在株高、单株荚数、粒数、产量上呈极显著相关, 可见, F_1 和 F_2 代在主要产量性状上关系相当密切, 基本上可根据 F_1 表现预测 F_2 的平均表现^[2]。2002 年末, 吉林省农业科学院孙震培育了国际上第一个杂交大豆品种“杂交豆 1 号”, 这个杂交种是以栽培大豆 167 为细胞质培育出来的, 比当地最高产品种吉林 30 增产 20%。

选育大豆杂交种的关键是选择适宜亲本。目前研究主要集中用亲本表型对后代优势的影响。由于表型易受环境的影响, 利用 DNA 分子标记技术预测杂种优势的研究已广泛应用于水稻、玉米以及小麦等作物上。Xiao 等的研究结果表明, 亲本 RAPD 和 SSR 标记的遗传距离可预测亚种内杂交稻产量潜力和杂种优势, 而对亚种间杂交种的产量优势预测无效^[3]。Lee 等用 28 个 RFLP 标记玉米近交系, 其亲本间遗传距离与杂交种产量、特殊配合力均达到显著或极显著相关。然而, 当选用多态性更大的标记后, 亲本遗传距离与 F_1 产量的显著相关性就不存在了^[4]。最新研究发现, 在普通小麦与斯卑尔脱小麦和普通小麦品种间两种杂交类型内, 亲本间遗传距离与所考察的各性状杂种优势没有必然的联系; 而当亲本遗传差异从品种间扩大到种间时, 遗传距离与各性状杂种优势呈显著正相关, 这表明利用种间杂交既可以明显扩大亲本间的遗传差异, 又可以显著提高小麦的杂种优势潜力^[5]。本文以来自 6 个省市的 10 个育成品种及其 22 个杂交 F_1 代为材料, 对其农艺性状和 SSR 标记进行分析, 探索亲本分子遗传距离预测 F_1 代杂种优势的可能性, 为亲本选配和

* 收稿日期: 2003-03-13

** 通讯作者: Tel: 010-62186650, E-mail: qjulijuan@263.net

作者简介: 张博(1976-), 女, 硕士研究生, E-mail: bozhang@sina.com

杂种优势的预测提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料准备

用 6 个省市的 10 个育成品种为亲本, 2001 年 7

表 1 F₁ 代家系的编号、名称及亲本组合

Table 1 The code and their parent names of 22 crosses

组合 Cross			组合 Cross		
编号 Code	亲本 1 Parent 1	亲本 2 Parent 2	编号 Code	亲本 1 Parent 1	亲本 2 Parent 2
z1	鲁豆 10 号 Ludou 10	冀豆 12 Jidou 12	z12	辽 21057 Liao 21057	郑 92116 Zheng 92116
z2	鲁豆 10 号 Ludou 10	郑 92116 Zeng 92116	z13	辽 21057 Liao 20157	中野 1 号 Zhongye 1
z3	中野 1 号 Zhongye 1	冀豆 12Jidou 12	z14	辽 21057Liao 21057	中野 2 号 Zhongye 2
z4	中野 1 号 Zhongye 1	鲁豆 4 号 Ludou 4	z15	汾抗线 1 号 Fenkangxian 1	鲁豆 4 号 Ludou 4
z5	中野 1 号 Zhongye 1	鲁豆 10 号 Ludou 10	z16	汾抗线 1 号 Fenkangxian 1	鲁豆 10 号 Ludou 10
z6	中野 2 号 Zhongye 2	冀豆 12 Jidou 12	z17	汾抗线 1 号 Fenkangxian 1	中野 1 号 Zhongye 1
z7	中野 2 号 Zhongye 2	鲁豆 4 号 Ludou 4	z18	汾抗线 1 号 Fenkangxian 1	中野 2 号 Zhongye 2
z8	中野 2 号 Zhongye 2	郑 92116 Zheng 92116	z19	汾抗线 1 号 Fenkangxian 1	辽 21057 Liao 21057
z9	中野 2 号 Zhongye 2	鲁豆 10 号 Ludou 10	z20	鲁豆 4 号 Ludou 4	郑 100 Zheng 100
z10	中野 2 号 Zhongye 2	中野 1 号 Zhongye 1	z21	辽 21057 Liao 21057	95—5807
z11	辽 21057 Liao 21057	冀豆 12 Jidou 12	z22	95—5807	郑 100 Zheng 100

1.2 分析及统计方法

1.2.1 SSR 分析

将 10 个亲本种子分别取 2—3 粒, 磨成豆粉, 用 SDS 法提取 DNA。具体方法见田清震论文^[6]。PCR 反应体系为 20 uL, 含有 50—100 ng 基因组 DNA 模板, 1×PCR 缓冲液, 1.25 mmol/L MgCl₂, 0.2 mmol/L dNTP, 0.2 μmol/L SSR 引物和 1U Tag DNA 聚合酶。本实验共用 18 个 SSR 引物, 其中每个连锁群上选择了 1 个 SSR 核心引物^[7]。PCR 反应程序为 95℃, 4 min; 95℃, 30 秒, 35 个循环。47℃, 30s; 72℃, 30s; 72℃, 10 min 后于 4℃保存。反应在 PTC200 上进行。扩增产物用测序胶(6% 聚丙烯酰胺, 8mol/L 脲素)分离, 经银染后检测扩增结果。

1.2.2 统计分析

每个 SSR 位点, 以 1 和 0 分别记录等位变异的有和无, 获得矩阵, 分别计算以下参数:

Nei 和 Li 相似系数计算采用 $S_{ij} = 2a / [(a+b) + (a+c)]$ 公式中 S_{ij} 代表品种 i 和 j 之间的遗传相似系数, a 为 2 个品种共有的等位变异数; b 为 i 材料有而 j 材料无的等位变异数, c 为 j 材料有而 i 材料无的等位变异数。

欧氏距离计算采用 $E_{ij} = [\sum_i (X_{ij} - Y_{ij})^2]^{1/2}$, X_{ij}

月于北京昌平种植, 8 月开花时进行人工杂交, 配制了 22 个组合(表 1)。2002 年 6 月, 杂交种在田间种植, 收获的每个组合取 5 株调查株高, 主茎节数、分枝数、单株荚数和百粒重。

为 X 品种第 i 个位点第 j 个等位变异的频率, Y_{ij} 为 Y 品种第 i 个位点第 j 个等位变异的频率。

超中亲优势(MH) = $[F_1 - 1/2 (P_1 + P_2)] / 1/2 (P_1 + P_2) \times 100\%$ F_1 为 F_1 代的性状平均值, P_1 、 P_2 指两个亲本的性状值。

超高亲优势(HH) = $[F_1 - P_h] / P_h \times 100\%$ P_h 指亲本中最高的性状值。

为了确定遗传距离与杂种优势间的数学关系, 首先绘制散点图, 再配合直线和 2 次曲线方程数学模型。模型的可靠性按理论值与实际值之间的回归关系检验。

整个统计分析过程使用 NTSYS 2.10 和 SAS 6.12 软件。

2 结果与分析

2.1 亲本的聚类结果与杂种优势的关系

为了全面的反映品种间的遗传关系, 作者随机选取了 18 个大豆连锁群, 在每个连锁群上选择了 1 个 SSR 核心引物, 对 10 个亲本进行分析。实验所用 18 个 SSR 引物分析, 均检测到多态性。根据遗传距离, 10 个亲本平均聚成 2 类(图 1)。第一类包括中野 1 号, 中野 2 号, 辽 21057, 汾抗线 1 号和郑 100, 第二类包括郑 92116, 鲁豆 10 号, 95—5807, 鲁豆 4 号

和冀豆 12。

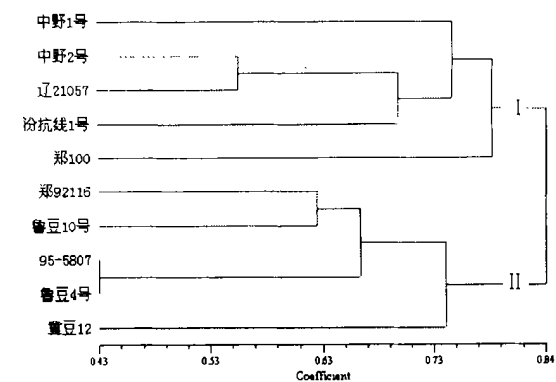


图 1 10 个亲本的 SSR 聚类树状图

Fig. 1 Dendrogram of 10 cultivars of soybean by SSR

第 I 类品种间的平均遗传距离为 0.736, 第 II 类品种间的平均遗传距离为 0.671, 两类之间品种的平均遗传距离较大, 为 0.835。杂交组合也可分为 3

组, A 组包括 Z2 和 Z4 二个 F₁ 代, 其亲本均来源与第 I 类, 亲本间平均遗传距离为 0.643。B 组包括 Z12、Z15、Z16、Z21、Z22 和 Z23, 其杂交亲本来源于第 II 类。其余的 14 个 F₁ 杂种组成 C 组, 是由 I、II 类间的品种杂交得到的, 亲本平均遗传距离为 0.848 (表 2)。对 3 组 F₁ 代的各性状的杂种优势 T 测验, 在分枝数和单株荚数这 2 个性状上, B 组的杂种优势极显著高于 C 组, 表现出相同的优势, 而 A 组和 B 组、A 组和 C 组的差异则不显著。其余 3 个性状, 无论是 A 组与 B 组, A 组与 C 组还是 B 组与 C 组差异均不显著。说明提高 F₁ 代的分枝数和单株荚数, 选择类内的亲本进行组合要好于选择类间的亲本。A 组 F₁ 代与 C 组 F₁ 代杂种优势在分枝数和单株荚数上差异不显著的原因可能与该组的杂交组合数量少有关。

表 2 两类亲本和类间亲本组合得到的 F₁ 代的杂种优势

Table 2 Heterosis of F₁ from I, II or I and II crosses

组名 Name	F ₁ 代个数 F ₁ number	亲本来源 Parent origin	亲本间距离 Distance between parents	株高 Height		节数 Nods		百粒重 100 seed sweight		分枝数 Braches		单株荚数 Legumina	
				MH	HH	MH	HH	MH	HH	MH	HH	MH	HH
A 组 Group A	2	第 I 类亲本 Within I	0.643	0.033	−0.022	0.028	−0.003	−0.166	−0.211	−0.054	−0.159	0.03	−0.032
B 组 Group B	6	第 II 类亲本 Within II	0.702	0.284	0.142	0.094	0.003	0.092	−0.075	0.828	0.725	0.959	0.68
C 组 Group C	14	I 和 II 类间亲本 Between I and II	0.848	0.163	0.066	0.07	0.02	−0.066	−0.173	0.222	−0.083	0.274	−0.013

注: MH 超中亲优势, HH 超高亲优势。

2.2 亲本间遗传距离与 F₁ 代各性状差异显著性的关系

在 10 个亲本中, 中野 2 号与不同亲本配制了 7 个杂交组合, 这 7 个组合亲本间平均遗传距离为

0.764, 辽 21057 和汾抗线 1 号与其他亲本分别配制了 5 个杂交组合, 其平均遗传距离分别为 0.704 和 0.741 (表 3)。

表 3 具有相同亲本的组合及亲本间遗传距离

Table 3 Crosses with same parents and genetic distance between parents

中野 2 号 Zhongye 2			辽 21057 Liao 21057			汾抗线 1 号 Fenkangxian 1		
F ₁ 代	亲本 2	亲本间遗传距离	F ₁ 代	亲本 2	亲本间遗传距离	F ₁ 代	亲本 2	亲本间遗传距离
z14	辽 21057	0.5578	z14	中野 2 号	0.5578	z18	中野 2 号	0.7001
z10	中野 1 号	0.6905	z12	郑 92116	0.6704	z19	辽 21057	0.7032
z18	汾抗线 1 号	0.7001	z19	汾抗线 1 号	0.7032	z16	鲁豆 10 号	0.7073
z9	鲁豆 10 号	0.7949	z13	中野 1 号	0.7378	z15	鲁豆 4 号	0.7723
z8	郑 92116	0.837	z11	冀豆 12	0.851	z17	中野 1 号	0.8212
z7	鲁豆 4 号	0.8809						
z6	冀豆 12	0.8847						
平均遗传距离		0.764			0.704			0.741
Average genetic distance								

对这三个组合的亲本间遗传距离 T 测验, 差异不显著。对各组内 F₁ 的株高等 5 个性状分别进行 T 测验, 将成对的 F₁ 分为差异显著(A)和不显著(B)两类。由于每个 F₁ 有一个亲本是相同的, 所以能够确

定两个 F₁ 的另一个亲本之间的遗传距离。将两类 F₁ 的不同亲本间的遗传距离进行差异显著性测验, 得到亲本间遗传距离的大小与 F₁ 性状差异显著性的关系(表 4)。

表 4 具有相同亲本的 F₁ 代各性状差异显著性与亲本间遗传距离的关系

Table 4 Relationship between traits different significance of F₁ with same parents and genetic distance between parents

组名 Name	株高		百粒重		单株荚数		分枝数		主茎节数	
	Plant high		100 seed Wt.		Pods of single plant		Branch of No		Nod of main stem	
	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
一组 成对的 F ₁ 个数	13	8	20	1	0	21	3	18	13	8
遗传距离	0.78	0.685	0.794	0.628		0.71	0.708	0.75	0.769	0.703
t 值	2.437 *		—		—		0.648		1.541	
二组 成对的 F ₁ 个数	0	10	6	4	2	8	2	8	0	10
遗传距离		0.741	0.686	0.825	0.676	0.758	0.846	0.715		0.741
t 值	—		—1.81		—0.75		1.288		—	
三组 成对的 F ₁ 个数	3	7	8	2	2	8	2	8	1	9
遗传距离	0.848	0.756	0.799	0.733	0.695	0.808	0.788	0.785	0.691	0.796
t 值	1.799		1.044		—2.07		0.041		—	

注: A 和 B 分别表示 F₁ 性状间差异显著和不显著; * 表示差异显著。

第一组中, 共有 21 对组间比较, 其株高差异显著的有 13 对, 占总数的 61.9%, 亲本间平均遗传距离为 0.780。而株高差异不显著的有 8 对, 亲本间平均遗传距离为 0.685。株高 AB 组亲本平均遗传距离的 t 测验达到显著水平, 在其他性状上差异不显著。

其他具有相同亲本的 F₁ 所有性状的差异没有达到显著水平。

以上表明, A 类和 B 类 F₁ 的亲本间遗传距离并没有一致的变化, 这可能与材料的遗传背景有关。因此, F₁ 性状的差异显著性随着材料的不同而改变, 与遗传距离关系并不密切。

2.3 遗传距离与杂种优势的相关分析

2.3.1 总体 F₁ 的杂种优势与遗传距离的相关关系

将亲本间遗传距离与各性状的杂种优势进行相关分析, 株高和主茎节数分别与遗传距离为正相关,

其余 3 个性状为负相关, 但 5 个性状都没有达到显著水平。其中百粒重与遗传距离的相关接近显著水平, 相关系数为-0.366 和-0.324。分枝数和单株荚数的负相关也证明了遗传距离大的亲本不一定能得到分枝数和单株荚数多的 F₁ 代。

上述相关分析没有达到显著水平, 表明依据直线线性关系无法预测亲本间遗传距离和杂种优势的关系。我们根据 22 个组合 5 个性状的杂种优势与相应亲本间遗传距离做成二维坐标散点图, 发现二者之间呈现一定的曲线关系。因此, 设亲本之间遗传距离为自变量(x), 杂种优势为因变量(y), 结果表明, 百粒重的超中、亲优势与遗传距离存在 2 次曲线极显著相关, 分枝数的超中亲优势与遗传距离存在 2 次曲线显著相关, 其回归方程通式为 $y = a + bx + cx^2$ (表 5)。

表 5 二次曲线方程的有关参数及其显著性水平

Table 5 Parameter estimate and probability levels of conic equation

变异来源 Variable	百粒重超中亲优势 100 seeds weight MH		百粒重超高亲优势 100 seeds weight HH		分枝数超中亲优势 Branches MH	
	系数	概率水平	系数	概率水平	系数	概率水平
	Coefficient	Probability levels	Coefficient	Probability levels	Coefficient	Probability levels
常数项(a) Constant	-5.382	0.0003	-5.092	0.0005	-10.34	0.054
一次项 x 系数(b) Coefficient of x	14.595	0.0002	13.407	0.0004	28.195	0.043
二次项 x ² 系数(c) Coefficient of x ²	-9.699	0.0005	-8.868	0.0003	-18.162	0.041

根据上表可以看出, 从理论上讲, 当遗传距离分别为 0.756 和 0.759 时, 百粒重的超中亲优势会提

高到 10.86%, 超高亲优势有所提高(-2.47%), 但仍不存在杂种优势。遗传距离为 0.776 时, 分枝数的杂种优势会提高到 60.26%。说明亲本间遗传距离为 0.7 时, 百粒重和分枝数的杂种优势最强。但要找到杂种优势综合性状最优的阈值, 尚需扩大亲本。

2.3.2 具有部分相同遗传背景的 F_1 的杂种优势与遗传距离的相关关系

将各组内 F_1 亲本间遗传距离与各性状的杂种优势进行相关分析(分组见表 2), 不同组在每个性状的相关表现不同。以中野 2 号为相同亲本的第一组 F_1 的亲本间遗传距离与百粒重超高亲优势和分枝数超中亲优势呈正相关, 与其它性状的杂种优势呈负相关; 以辽 21057 为相同亲本的第二组的 F_1 亲本间遗传距离分别与株高超中亲优势、主茎节数的超中亲、超高亲优势呈正相关, 与其它性状的杂种优势呈负相关; 以汾抗线 1 号为相同亲本的第三组的 F_1 亲本间遗传距离与株高超中亲、高亲优势呈负相关, 与其余性状呈负相关。但 5 个性状都没有达到显著水平。将三组 F_1 的杂种优势与亲本间遗传距离的相关系数 T 测验, 第一、二组和第三组的相关系数差异达到极显著和显著水平, 一、二组差异不显著。三组 F_1 杂种优势与亲本间遗传距离采用 2 次曲线拟合, 除第一组 F_1 的百粒重超中亲、高亲优势与遗传距离达到极显著相关外, 其它杂种优势与亲本间遗传距离均相关不显著。表明具有部分相同遗传背景的 F_1 的杂种优势与亲本间遗传距离在大多数性状上的直线相关没有一致的规律性, 也不存在二次多项式的相关关系。

3 讨论

亲本的选择是获得强优势组合的关键环节^[1]。利用分子遗传距离创建树状聚类图, 能够直观的表现亲本之间的遗传关系。张培江等根据 12 个水稻亲本的 RFLP 数据构建了树状图, 结果表明, 遗传关系较小的普通粳稻之间杂种优势较小, 遗传差异较大的粳稻和光壳稻之间的杂种优势较强^[8]。与此相反, 在甜玉米的自交系聚类分析与杂种优势间不存在相关关系^[9]。在本实验中, 类内亲本和类间亲本杂交得到的 F_1 代在 5 个数量性状上的表现不一致, 类内亲本和类间亲本 F_1 代在株高、节数和百粒重 3 个性状上差异不显著, 但在分枝数和单株荚数上的差异显著。而且遗传关系近的类间亲本获得的 F_1

代杂种优势高。研究不同的作物, 得到的结论不同, 表明利用聚类结果选配亲本要因作物和品种而异。Zhang 等比较了分布于水稻整个基因组的不同数目标记, 结果表明, 标记数从 76 增加到 104 个并不能提高杂合性和杂种优势的相关性^[10-11]。而 Smith 等的研究结果则不同, 他们应用分布于整个玉米基因组的 257 个探针/酶组合, 分析了 37 个优良自交系的 RFLP 遗传距离与 F_1 产量以及 F_1 杂种优势的相关系数高达 0.93 和 0.87^[12]。可见不同组合因遗传背景有差异, 当标记数增加到覆盖整个基因组时, 遗传背景差异对结果的影响就可能得到最大限度的削弱。我们在分析亲本间遗传距离与具有部分相同遗传背景的 F_1 性状差异显著性之间和杂种优势与亲本间遗传距离的关系时, 难以找到某种规律。这可能是由于不同的亲本组合对遗传背景的影响较大, 二是因为引物数量少不能充分表现出亲本遗传关系的差别。再者, 因为本研究检测的是一般异质性, 亲本间一般异质性利用所有分子标记而计算来, 与 F_1 杂种表现的相关性通常较低, 而亲本间的特殊异质性仅仅依据与性状有显著效应的分子标记, 与 F_1 杂种优势(以中亲值为评价标准)则呈极显著相关^[10-13]。

然而, 并非所有的杂种优势与亲本间遗传距离都呈直线线性关系。井立军等以 4X4 不完全双列杂交法研究了茄子的遗传距离与杂种 8 个性状及杂种优势的关系。结果表明, 茄子的 3 个性状播种至门茄采收天数、果实长度和单株产量与亲本间遗传距离呈二次回归显著^[14]。夏立新等计算了 10 个黄瓜亲本 RFLP 遗传距离与 15 个 F_1 园艺性状各种相关曲线的相关系数。结果发现, F_1 园艺性状与亲本间分子遗传距离间的各种相关曲线中, 以抛物线的相关系数最大, 其中座瓜率、收获始期与遗传距离的抛物线相关系数存在着显著相关^[15]。本研究表明, 百粒重的超中亲、高亲优势与亲本间遗传距离存在极显著 2 次曲线相关, 分枝数的超中亲优势与亲本间遗传距离存在显著 2 次曲线相关。

参 考 文 献

- 王曙明, 孙襄, 王越强, 等. 大豆杂种优势及高优势组合选配的研究. I. F_1 代子粒产量的杂种优势与高优势组合选配[D]. 第七届全国大豆学术讨论会论文摘要集, 2001, 5.
- 梁江, 陈渊, 程伟东. 大豆杂交组合 F_1 代优势及亲本代间的关系[J]. 广西农业科学, 2001, 4: 174-176.
- Xiao J, Li L, Yuan L et al. Genetic diversity and its relationship to

hybrid performance and heterosis in rice as revealed by PCR-based markers[J]. Theor. Appl. Genet., 1996, 92: 637—643.

4 Lee M, Godshalk E B, Lmkey K R. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performances of their cross[J]. Crop Science, , 1989, 29, 1: 1067—1071.

5 崔国惠, 倪忠福, 吴利民, 等. 小麦杂种优势群研究 V. 微卫星分子标记遗传距离与普通小麦和斯卑尔脱小麦种间杂种优势的关系[J]. 麦类作物学报, 2002, 22(1): 5—9.

6 田清震. 中国野生大豆与栽培大豆 AFLP 指纹分析及生态群体遗传关系研究[D]. 南京农业大学博士论文, 2000.

7 谢华. 中国大豆预选核心种质有代表性样品的遗传多样性分析[D]. 中国农业科学院博士论文, 2002.

8 张培江, 才宏伟, 袁平荣, 等. RFLP 标记水稻遗传距离及其与杂种优势的关系[J]. 杂交水稻, 2001, 16(5).

9 王逸群, 赵仁贵, 王玉兰. 甜玉米距离分析与杂种优势的研究[J]. 吉林农业科学, 2001, 26(3): 16—20.

10 Zhang Q, Gao Y L, Yang S H, et al. A diallel analysis of heterosis is in elite hybrid rice based on RFLPs and Microsatellite[J]. Theor. Appl. Genet, 1994, 89: 185—192.

11 Zhang Q, Gao Y L. Correlation between molecular marker heterozygosity and heterosis in rice. China. EU workshop on plant genome mapping[J]. Shanghai China, March, 1995, 42—45.

12 Smith O S, Smith J C S, Bowen S L, et al. Similarities among a group of elite length polymorphisms among maize inbreds as measured by pedigree, grain yield, grain yield heterosis, and RFLPs[J]. Theor. Appl. Genet., 1990, 80: 273—280.

13 Zhang Q, Gao Y L, Saghai Maroof M A, et al. Molecular divergence and hybrid performance in rice[J]. Molecular Breeding, 1995, 1: 133—142.

14 井立军, 崔鸿文. 茄子遗传距离与杂种优势关系研究[J]. 西北农业学报, 1999, 8(2): 63—65.

15 夏立新, 陈德富, 哈玉洁, 等. 黄瓜亲本间分子遗传距离与杂种优势的相关性[J]. 南开大学学报, 2002, 34(2): 90—94.

PRIMARY STUDY ON PREDICTING HETEROSIS BY SSR MARKER
DISTANCE AMONG SOYBEAN CULTIVARS

Zhang Bo Qiu Lijuan Chang Ruzhen

(Key Laboratory of Crop Germplasm Resources and Biotechnology, Ministry of Agriculture; Institute of Crop Germplasm Resources, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract The objective of this study is to explore the probability that molecular marker distance could be used to predict heterosis. 32 accessions including 10 cultivars, from 6 cities and provinces, and their F₁ hybrids were studied on genetic distance by using SSR markers. The results were as the following: Parents selected within the sort could be more helpful to increase number of main stem branch and pods per plant than those selected between sorts. In most F₁ hybrids with one same parent, agronomic traits and heterosis were not related to genetic distance. Mid parent heterosis of 100—seed weight and high parent heterosis of number of main stem branch in total F₁ hybrids appeared highly curvilinear correlated to genetic distance respectively.

Key words Soybean; Genetic distance; Heterosis